219335

อรชร โชติญาณวงษ์ 2552: ความสัมพันธ์ทางสัณฐานวิทยาและพันธุกรรมในถั่วเหลืองพันธุ์พื้นเมืองและพันธุ์รับรองของไทย ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร) สาขาเทคโนโลยีชีวภาพเกษตร โครงการสหวิทยาการระดับบัณฑิตศึกษา ประธานกรรมการที่ปรึกษา: ศาสตราจารย์พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์, Ph.D. 240 หน้า

ถั่วเหลืองเป็นพืชที่เป็นแหล่งโปรตีนและน้ำมันที่สำคัญ ข้อมูลพื้นฐานเกี่ยวกับความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลือง เป็นสิ่งที่นักปรับปรุงพันธุ์ต้องทราบ เพื่อนำมาใช้เพิ่มประสิทธิภาพในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วเหลือง การทดลองนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความแปรปรวนและจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของถั่วเหลือง 160 สายพันธุ์ ประกอบด้วย พันธุ์พื้นเมือง 149 สายพันธุ์และพันธุ์รับรอง 11 สายพันธุ์ ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ลักษณะทางสัณฐาน 26 ลักษณะ ประกอบด้วยลักษณะเชิงปริมาณ 11 ลักษณะ และลักษณะเชิงคุณภาพ 15 ลักษณะ และเครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 18 เครื่องหมาย จากการทดลองใน 2 สถานที่ 2 ฤดู พบว่า เมื่อใช้ลักษณะเชิงปริมาณ 11 ลักษณะ วิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างพันธุ์/สายพันธุ์โดยใช้ Euclidean distance และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูแล้ง พ.ศ. 2547/48 ที่มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 34.56 % ได้ 22 กลุ่ม ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูแล้ง พ.ศ. 2547/48 ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 50.87 % ได้ 22 กลุ่ม ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูฝน พ.ศ. 2548 ที่มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 26.88 % ได้ 22 กลุ่ม ชุดข้อมูลที่ปลูกทดสอบในฤดูฝน พ.ศ. 2548 ที่ศูนย์วิจัยพืชไร่เชียงใหม่ สามารถแบ่งกลุ่มที่ระดับความแตกต่าง 17.72 % ได้ 23 กลุ่ม ในการจัดกลุ่มโดยใช้ลักษณะเชิงปริมาณนี้ สภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะมาก เช่น อายุวันออกดอก อายุวันเก็บเกี่ยว และความสูง ทำให้การจัดพันธุ์เข้ากลุ่มในแต่ละสภาพแวดล้อมแตกต่างกัน เมื่อใช้ลักษณะเชิงคุณภาพ 15 ลักษณะ วิเคราะห์ความคล้ายคลึงโดยใช้ simple matching และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA สามารถแบ่งเป็นกลุ่มย่อยที่ระดับความคล้ายคลึง 80 % ได้ 23 กลุ่ม มีค่า r = 0.60 ในการจัดกลุ่มโดยใช้ลักษณะเชิงคุณภาพ พบว่า ลักษณะที่มองเห็นและแบ่งแยกความแตกต่างได้มีจำนวนจำกัด และเมื่อใช้เครื่องหมายโมเลกุล SSR จำนวน 18 เครื่องหมาย พบว่า SSR loci ให้จำนวนอัลลีลเฉลี่ยเท่ากับ 11.83 อัลลีล โดย Satt458 มีจำนวนอัลลีลสูงสุดคือ 22 และ Satt045 มีจำนวนอัลลีลต่ำสุดคือ 6 และมีดัชนีความหลากหลายทางพันธุกรรม (*H*) เฉลี่ยเท่ากับ 0.831 โดย Satt458 มีค่า *H* สูงสุดคือ 0.916 และ Satt045 มีค่า *H* ต่ำสุดคือ 0.695 ผลการวิเคราะห์ความแตกต่างของขนาดอัลลีลโดยใช้ Euclidean distance และจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า ที่ระดับความแตกต่าง 53.32 % สามารถแยกได้เป็น 14 กลุ่ม มีค่า r = 0.91 โดยการจัดกลุ่มโดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลนี้ สามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกและจัดพันธุ์เข้ากลุ่มได้มากขึ้น และจากการจัดกลุ่มโดยใช้ลักษณะต่าง ๆ ดังกล่าวมานั้น พบว่ามีถั่วเหลืองบางพันธุ์/สายพันธุ์ที่น่าจะเป็นพันธุ์เดียวกันในเชื้อพันธุกรรมชุดนี้ ดังนั้น การทดลองนี้ชี้ให้เห็นว่า ถั่วเหลืองพันธุ์พื้นเมืองและพันธุ์รับรองของไทยมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง ซึ่งแม้ว่าการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการจำแนกพันธุ์/สายพันธุ์ถั่วเหลือง จะมีความน่าเชื่อถือมากกว่าการใช้เพียงลักษณะทางสัณฐาน การใช้ลักษณะทางสัณฐานยังคงมีความจำเป็นในการจำแนกลักษณะประจำพันธุ์/สายพันธุ์โดยนักปรับปรุงพันธุ์พืช และสามารถใช้เป็นข้อมูลในการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อแม่ที่เหมาะสมสำหรับสร้างคู่ผสมต่าง ๆ ได้

219335

Orachorn Chotiyarnwong 2009: Phenotypic and Genetic Relationship in Indigenous and Recommended Thai Soybean Varieties. Master of Science (Agricultural Biotechnology), Major Field: Agricultural Biotechnology, Interdisciplinary Graduate Program. Thesis Advisor: Professor Peerasak Srinives, Ph.D. 240 pages.

Soybean is an important source of protein and oil. Information on genetic diversity and relationship among breeding materials is essential to a soybean breeder for efficient improvement of the crop. The objective of this study is to evaluate the genetic diversity and to group 160 Thai soybean varieties (149 indigenous and 11 recommended) using 26 morphological characters (11 quantitative and 15 qualitative) and 18 SSR markers. The experiments were conducted in 2 locations and 2 seasons. Clustering of 11 quantitative traits based on Euclidean distance and grouped by UPGMA revealed that the data obtained from the trial conducted at Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus (KU-KPS) in the dry season 2004/05, divided the soybean varieties into 22 groups at 34.56 % different level. The data from the trial conducted in the same season in Chiang Mai Field Crop Research Center (CMFCRC) separated them into 22 groups at 34.56 % different level. In rainy season 2005, the data from KU-KPS divided the soybean varieties into 22 groups at 26.88 % different level, while the data from CMFCRC separated them into 23 groups at 17.72 % different level. Environmental factors also affected quantitative traits such as days to flowering, days to harvest and plant height. So the soybean varieties were grouped in each environment. When data from 15 qualitative traits were used to evaluated similarity using simple matching and to group by UPGMA, the soybean varieties were separated into 23 groups at 80 % similarity level with r = 0.60. The qualitative characters, although not affected by environment, the polymorphism found in each character was rather limited. When 18 SSR markers were applied, they produced an average of 11.83 alleles. Satt458 gave the highest number of allele (22) and Satt045 gave the lowest number of allele (6). The SSR loci produced a mean gene diversity (*H*) of 0.831 with Satt458 gave the highest *H* value of 0.916, while Satt045 gave the lowest *H* value of 0.695. Clustering the Euclidean distance of allele size using the UPGMA method separated this population into 14 groups at 53.32 % different levels with r = 0.91. Used of molecular marker gave more powerful in grouped and identified the soybean varieties, we found that some of varieties may be the same one. This indicated that the indigenous and recommended soybean varieties in Thailand have high genetic diversity based on morphological and SSR markers. Although, the SSR markers seem to be reliable more than morphological characters in grouping soybean germplasm, morphological characters are indispensable for the plant breeders to classify and select suitable parents for soybean crosses.